



Identificação de novos alelos microssatélites na raça Gir

Azevedo, ALS^{1,2}; Gomez, AL^{1,2}; Gasparini, K¹; Campos, AL¹; Domingues, R¹; Vieira TR¹; Mendonça, PRF¹; Guimarães, SEF²; Peixoto, MGCD¹; Verneque, RS¹; Regitano, LCA³; Machado, MA¹

¹Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG

²Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. ³Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, São Paulo
luisasousa35@yahoo.com.br

Palavras-chave: marcadores moleculares; SSR, bovino; *Bos indicus*

Estudos arqueológicos e de mtDNA comprovam que os bovinos taurinos e zebuínos foram domesticados em duas regiões distintas e divergiram há mais de 610.000 anos. É possível verificar, como consequência desse processo, grandes diferenças entre estas subespécies, tanto para características fenotípicas como adaptação ao ambiente tropical e também a nível genômico. O grande avanço das técnicas moleculares nos últimos anos possibilitou identificar e catalogar essa grande diversidade genômica existente entre taurinos e zebuínos, por meio da formação de bancos de dados com informação de diversos tipos de marcadores e sequências de DNA. O USDA (*United States Department of Agriculture*) disponibiliza um mapa de ligação bovino altamente saturado com informações sobre os marcadores (número de alelos, tamanho dos alelos e heterozigiosidade). Esse mapa baseia-se em trabalhos que utilizaram diferentes raças de bovinos, na grande maioria taurinas (Gelbvieh, Simmental, Piedmontese, Longhorn, Hereford, Angus) sendo que apenas duas raças zebuínas foram utilizadas (Brahman, Nellore). Dada a grande diferença existente entre essas duas subespécies, espera-se encontrar características distintas para esses marcadores em rebanhos zebuínos, já que poucos animais foram avaliados para a formação do mapa de referência do USDA. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi identificar, na raça Gir, novos alelos para marcadores moleculares localizados em toda extensão do genoma bovino. Para isso, foram utilizadas 27 fêmeas Gir que foram genotipadas com 142 marcadores microssatélites. As amostras foram amplificadas pela técnica de PCR, e os produtos foram detectados por eletroforese capilar no equipamento MegaBACE 1000. Foi calculado, para cada um dos marcadores, a heterozigiosidade esperada (HE) e conteúdo de informação polimórfica (PIC). Os valores médios de HE (0,69), de PIC (0,63) e do número de alelos (6) podem ser considerados altos, demonstrando que esses marcadores são altamente informativos mesmos dentro de pequenas populações. O marcador IOBT959 foi o que apresentou os maiores valores para HE (0,87), PIC (0,90) e número de alelos (14). Apenas 28 marcadores (20%), apresentaram PIC inferior a 0,5, indicando que a maioria dos marcadores são altamente polimórficos. Foi possível identificar 40 novos alelos que apresentavam tamanho em pares de base fora da faixa indicada no mapa de referência do USDA. Foram encontrados alelos bem distantes do tamanho máximo pré-determinado para os marcadores DIK553 (60 pb) e MNB88 (42pb). Os demais alelos identificados estavam, em média, a 8 pares de bases do tamanho esperado. A identificação de novos alelos dentro de uma população de animais zebuínos reforça a necessidade de um maior conhecimento molecular para essas raças, uma vez que o rebanho bovino brasileiro é constituído, na sua maioria, por raças zebuínas. A escassez de conhecimento a respeito dessa diversidade genômica pode comprometer, ou reduzir a confiabilidade, na utilização de marcadores para seleção assistida por marcadores e também na realização de testes de paternidade.

Apoio financeiro: FAPEMIG/CNPq/Embrapa Gado de Leite.